Die Murmeltiere auf Vancouver Island (*Marmota vancouverensis*, Rodentia, Sciuridae): Bedrohung einer seltenen Art durch Habitatverlust und genetische Verarmung

L. KRUCKENHAUSER, W. PINSKER & A.A. BRYANT

Abstract

M. *vancouverensis* has experienced a dramatic decline of the population size over the past 10 years. To save this highly endangered species from extinction, a recovery program has been started which will include captive breeding, reintroductions, and reestablishment of sustainable populations in suitable habitats. For this purpose it would be helpful to have appropriate genetic markers for the monitoring of population development, especially in order to avoid inbreeding and loss of variability. In addition, it will be important to get some basic information on the present genetic status of the remaining population.

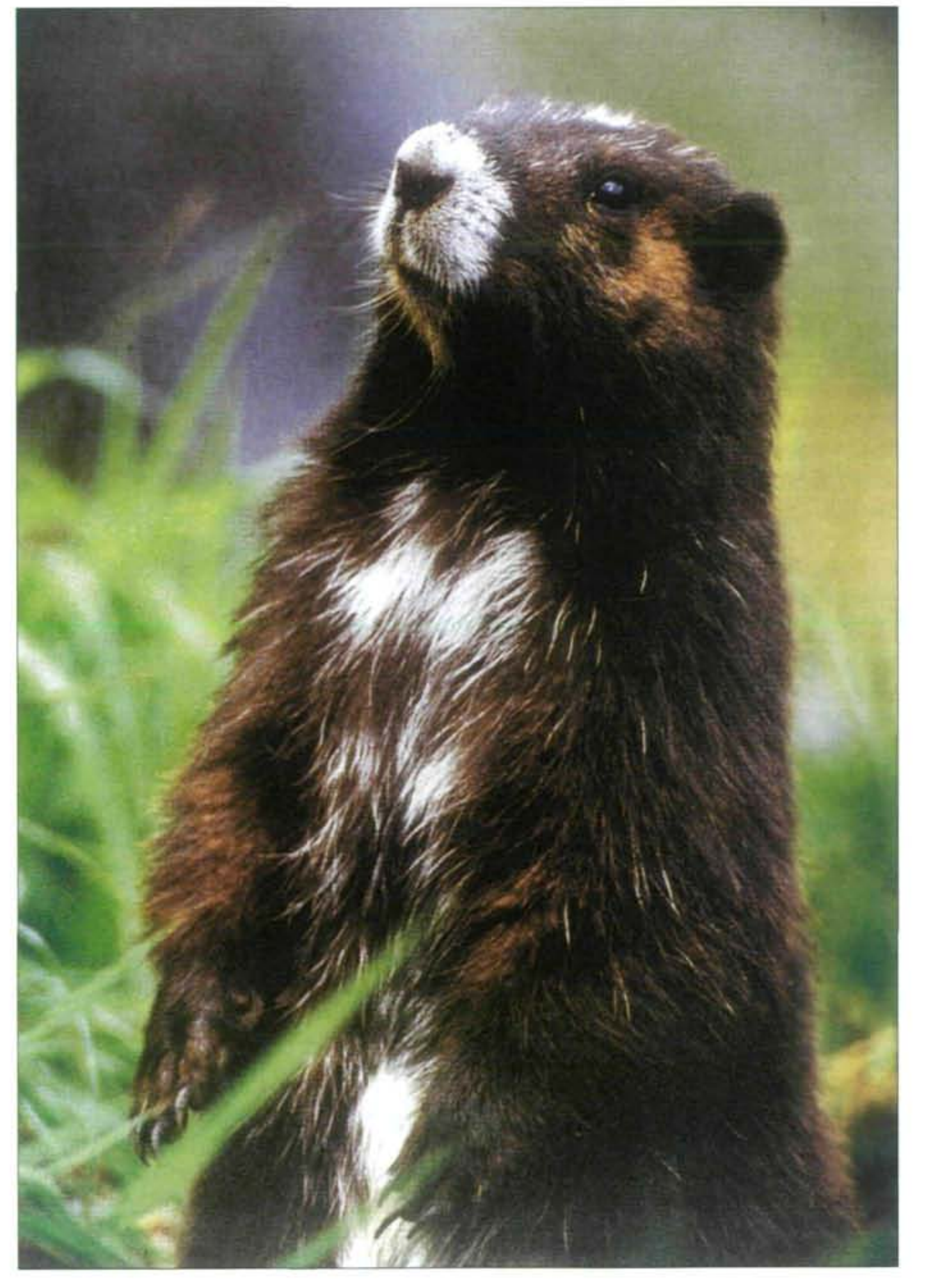
Over the last years our research group in Vienna has carried out population studies on the Alpine marmot (M. *marmota*) covering the entire distribution range of this species in the European Alps. Ten polymorphic microsatellite loci that have been isolated from the genome of M. *marmota* were tested in 21 individuals of M. *vancouverensis*. Because of the highly protected status of the species, hair root samples were used as a source for DNA extraction. The microsatellites were amplified by PCR. In contrast to M. *marmota*, only two loci proved polymorphic in M. *vancouverensis*. The number of alleles detected as well as the average heterozygosity were also considerably lower. Thus depauperation of the gene pool may add to the threat already imposed by the diminishing population number. However, the major problem for the conservation of this species is the scarcity of appropriate habitats.

Stapfia 63,
zugleich Kataloge des OÖ. Landesmuseums,
Neue Folge Nr. 146 (1999), 159-168

Einleitung

Das Vancouver Murmeltier (*M. vancouverensis* SWARTH 1911) ist eine auf Vancouver Island (British Columbia, Kanada) endemisch vorkommende Murmeltierart, welche akut vom Aussterben bedroht ist (Abb. 1). Vor allem in den letzten Jahren war eine dramatische Abnahme der Populationsgröße zu verzeichnen (BRYANT 1997). Wurde noch Mitte der 1980er Jahre die Gesamtindividuenzahl auf 300 bis 350 geschätzt, so wurden bei der letzten Zählung im Jahre 1998 nur mehr 71 Individuen gesichtet (Abb. 2). Zieht man in Betracht, daß nicht alle lebenden Tiere bei der Zählung erfaßt wurden, so kann die Größe der Restpopulation auf 85 bis 95 Individuen hochgerechnet werden. Sollte der negative Trend in der Populationsentwicklung anhalten, so ist mit dem Verschwinden dieser Art innerhalb des nächsten Jahrzehnts zu rechnen.

Abb. 1:
Das Vancouver Murmeltier (*M. vancouverensis*). Vom Erscheinungsbild her zählt *M. vancouverensis* sicher zu den schönsten Säugetierarten. Dennoch ist diese Art akut vom Aussterben bedroht, wenn es nicht kurzfristig gelingt, die Zerstörung ihres Lebenraumes auf Vancouver Island (Kanada) zu stoppen.
Foto: A.A. BRYANT.



Vancouver Island ist mit 32.000 km^2 die größte Insel vor der Westküste Nordamerikas und weist eine gebirgige Struktur mit Erhebungen bis 2200 m auf. Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet von *M. vancouverensis* (BRYANT & JANZ 1996) umfaßte zahlreiche verstreute Kolonien, welche sich über die gesamte von Nordwesten nach Südosten verlaufende Gebirgskette verteilten, wobei sich das Verbreitungszentrum im südlich-zentralen Teil der Insel befand. Heute sind die Vorkommen auf zwei Areale beschränkt: ein aus zwei Kolonien bestehendes Isolat im Gebiet des Mount Washington und ein 150 km^2 großes Kerngebiet innerhalb des ursprünglichen Verbreitungszentrums, in welchem etwa zwei Drittel der heute lebenden Individuen zu finden sind (Abb. 3). Von den 25 bekannten und unter Beobachtung stehenden Kolonien waren nur 13 fortpflanzungsaktiv.

Die Ursachen für den extremen Rückgang der Populationsgröße während der letzten 15 Jahre sind auf mehreren Ebenen zu suchen: in der natürlichen Lebensweise und den sehr spezifischen Lebensraumansprüchen dieser Art sowie in der Veränderung des Habitats sowohl durch äußere Einflüsse (Klimaschwankungen), als auch durch den Menschen (Holzwirtschaft). Das Vancouver Murmeltier ist eine relativ junge Art, welche wahrscheinlich aus einer isolierten Population einer weiter verbreiteten Stammart entstanden ist. Die Abtrennung erfolgte möglicherweise während der letzten Eiszeiten entweder im Küstenbereich oder in sogenannten „Nunataks", eisfreien Inseln innerhalb einer größeren Eismasse. Die nächsten Verwandten (KRUCKENHAUSER et al. 1999) sind das Olympmurmeltier (*M. olympus*), welches die Olympic Peninsula im Süden von Vancouver Island (Washington, USA) bewohnt, sowie das Eisgraue Murmeltier (*M. caligata*), eine Festlandart, die in den Hochgebirgsregionen der USA und Kanadas vorkommt (siehe auch den Beitrag „Phylogenie der Gattung *Marmota*"). Das Vancouver

Murmeltier gehört zu den größten Vertretern der Gattung. Adulte Tiere können ein Körpergewicht zwischen 3 kg (nach dem Winterschlaf im Mai) und 6 kg (im September) erreichen. Sie sind durch eine besonders dunkle Fellfarbe gekennzeichnet, die durch eine weiße Behaarung des Schnauzenbereichs sowie eine weiße Scheckung auf der Ventralseite kontrastiert wird (NAGORSEN 1987). Murmeltiere waren auf Vancouver Island nie wirklich häufig. Infolge des stark fragmentierten Habitats entwickelte sich die Struktur einer Metapopulation. Darunter versteht man eine Unterteilung der Gesamtpopulation in kleine Kolonien, die von Zeit zu Zeit neu entstehen und wieder erlöschen. Das Vancouver Murmeltier bevorzugt südliche oder westliche Gebirgshänge in einem Höhenbereich zwischen 1000 und 1400 m, an denen durch regelmäßige Lawinenabgänge das Aufkommen von Wald- und Buschvegetation verhindert wird. Eine Kolonie besteht aus bis zu 5 adulten Individuen. Weibchen werden mit 3 Jahren geschlechtsreif, pflanzen sich aber meist nicht vor dem vierten Lebensjahr fort. Die Reproduktionsrate ist mit Wurfgrößen von 2 bis 5 niedrig. Jungtiere wandern im Alter von 2 Jahren ab, ein wichtiger Vorgang für die Erhaltung der Metapopulation. Gerade diese Populationsstruktur, die auf Abwanderung und Neugründung von Kolonien beruht, ist möglicherweise mit Schuld am Rückgang der Bestände.

In Gebieten, in denen intensive Holzwirtschaft betrieben wird, kommt es häufig zur Besiedelung von Kahlschlägen durch neu einwandernde Murmeltiere. Die infolge von Abholzung baumfreien Areale sind oberflächlich den

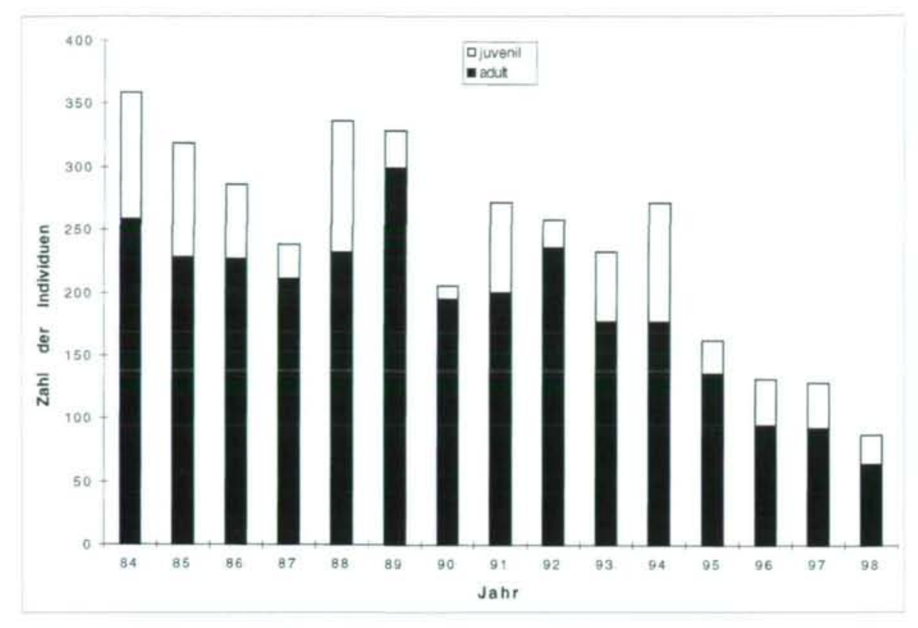


Abb. 2: Im Freiland gezählte Individuenzahlen. Seit 1984 ist eine drastische Abnahme der Populationsgröße zu verzeichnen. Bei der letzten Zählung im Jahre 1998 wurden nur mehr 71 Individuen registriert.

Abb. 3: Das Verbreitungsgebiet des Vancouver Murmeltieres. Die meisten aktiven Kolonien befinden sich heute im südlich-zentralen Teil der Insel. Daneben existiert noch ein kleines Isolat im Gebiet des Mount Washington. Aus den Positionen ehemaliger Kolonien (historischen Berichten von 1864-1989 entnommen) läßt sich das weit größere ursprüngliche Verbreitungsgebiet von *M. vancouverensis* rekonstruieren.

Tab. 1:
Vergleich der Allozymvariation von *M. vancouverensis* mit den Werten anderer Murmeltierarten. (H_e = Heterozygotiegrad, P = Polymorphiegrad, L = Zahl der untersuchten Loci)

	H_e	P	L	Quelle der Daten
M. vancouverensis	7.3 %	18 %	22	BRYANT (1990)
M. monax	5.3 %	25 %	24	WRIGHT et al. (1987)
M. flaviventris	7.5 %	40 %	20	SCHWARTZ & ARMITAGE (1980)
M. marmota	1.1 %	4 %	50	PRELEUTHNER & PINSKER (1993)

Tab. 2:
Allelhäufigkeiten (in %) an 10 Mikrosatellitenloci in *M. marmota* (Population Lechquellengebirge) und *M. vancouverensis*. (2n = Zahl der getesteten Allele pro Locus)

Locus	Allel	*M. m.*	*M. v.*	Locus	Allel	*M. m.*	*M. v.*
MS06	142	—	100.0	**Bibl-04**	175	40.5	—
	160	100.0	—		176	—	100.0
					179	9.5	—
	2n	44	42		188	2.4	—
					190	47.6	—
MS41	176	—	100.0		**2n**	42	42
	186	31.8	—				
	190	68.2	—				
				Bibl-18	137	—	100.0
	2n	44	42		143	100.0	—
					2n	42	42
MS45	111	47.7	—				
	113	52.3	—				
	115	—	100.0	**GS12**	132	33.3	—
					133	66.7	—
	2n	44	42		144	—	100.0
					2n	42	42
MS53	145	2.4	60.0				
	147	76.2	40.0				
	149	21.4	—	**GS14**	242	—	100.0
					244	57.9	—
	2n	42	40		246	42.1	—
					2n	38	42
MS56	100	—	5.0				
	101	—	15.0				
	102	—	17.5	**GS25**	132	—	100.0
	103	—	62.5		148	100.0	—
	113	19.0	—				
	115	81.0	—		**2n**	42	42
	2n	42	40				

natürlichen, durch Lawinenabgänge von dichter Vegetation befreiten Hängen ähnlich und werden daher von den Murmeltieren als geeignetes Habitat für das Anlegen von Bauen akzeptiert. Diese von der Stammkolonie aus oft leichter erreichbaren und heute zahlreich vorhandenen Alternativhabitate bieten jedoch weder das benötigte Angebot an Nahrungspflanzen, noch verhindern Lawinen das Wiederaufwachsen dichterer Vegetation. So werden sie praktisch zur Falle für die Neuankömmlinge, und innerhalb von wenigen Jahren sind derartige Kolonien meist zum Scheitern verurteilt. Ein weiterer möglicher Grund für den Niedergang der Population ist eine Veränderung der Vegetation durch einen Temperaturanstieg in jüngster Zeit.

Das vor 10 Jahren gestartete „Vancouver Island Marmot Recovery Project" in Nanaimo (Kanada) versucht, Notmaßnahmen zur Rettung des Vancouver Murmeltieres zu organisieren. Ziel dieser Bemühungen ist es, zunächst die verbliebene Population zu stabilisieren und später durch Aussetzung in geeigneten Arealen für eine weitere Verbreitung und Vergrößerung der Population auf 400 bis 600 Individuen zu sorgen. Eine wichtige Maßnahme ist dabei die Gründung einer ständig kontrollierten Zuchtpopulation in einem geschützten Gebiet innerhalb des Strathcona Provincial Park auf Vancouver Island. Parallel dazu werden in den Zoos von Toronto und Calgary Zuchtversuche in Gefangenschaft durchgeführt. Für diese Zuchtprogramme und für das weitere genetische Monitoring der Populationen nach den geplanten Wiederaussetzungen ist es notwendig, variable Gene als Marker zur Verfügung zu haben. Mit Hilfe dieser Marker sollen vor allem Inzucht innerhalb der Zuchtlinien sowie der Verlust von Variabilität im Genpool der gesamten Art erkannt und vermieden werden. Frühere mittels Allozymelektrophorese durchgeführte Untersuchungen (siehe auch die Beiträge „Genetische Verarmung des Alpenmurmeltieres (*Marmota m. marmota)* in Österreich" und „Das Alpenmurmeltier *Marmota m. marmota* – eine genetisch verarmte Tierart") ergaben keinen eindeutigen Hinweis auf verringerte Variabilität in den getesteten Individuen (BRYANT 1990). Als Maßzahlen für die genetische Variation werden der Heterozygotiegrad (H_e) und der Polymorphiegrad (P) verwendet (siehe Beitrag von PRELEUTHNER & PINSKER). Ein Vergleich mit *M. monax* und *M. flaviventris* (Tab. 1) zeigt, daß zumindest zum Untersuchungszeitpunkt (1987-1989) der Heterozygotiegrad von *M. vanvouverensis* durchaus im Bereich der anderen nordamerikanischen Murmeltiere lag. Der Polymorphiegrad hingegen war unter diesen drei Arten in *M. vancouverensis* am geringsten. Der gefundene Wert von 18% besagt, daß nur 4 von 22 Loci einen Polymorphismus aufwiesen. Beide Maßzahlen (He und P) sind bei *M. vancouverensis* jedoch deutlich höher als jene der österreichischen Populationen des europäischen Alpenmurmeltieres *M. marmota*, welche als genetisch verarmt eingestuft werden.

Unser Ziel war es nun, zusätzliche variable Loci für die Verwendung als genetische Marker zu entdecken. Im Zuge der populationsgenetischen Analysen am Alpenmurmeltier (siehe den Beitrag „Genetische Differenzierung der Populationen des Alpenmurmeltieres") wurden Mikrosatellitenloci aus *M. marmota* isoliert. Mikrosatelliten sind Orte im Genom, die aus einer Aufeinanderfolge zahlreicher Kopien eines simplen DNA-Sequenzmotivs (z. B. CACACA) bestehen. Die Zahl der Wiederholungseinheiten eines solchen Mikrosatelliten kann variieren, wodurch Allele (Varianten des Locus) entstehen, die sich in der Länge unterscheiden. Mit Hilfe der PCR-Technik (Polymerase-Kettenreaktion) können die Mikrosatelliten eines Individuums isoliert und die Allele aufgrund ihrer Länge identifiziert werden. In der vorliegenden Untersuchung wurde nun getestet, ob die beim Alpenmurmeltier entdeckten Mikrosatellitenloci auch beim Vancouver Murmeltier vorhanden sind und als neue variable Marker für genetische Analysen an dieser bedrohten Tierart verwendet werden können. Gleichzeitig wurde überprüft, ob sich *M. marmota* und *M. vancouverensis* in ihrer Variabilität unterscheiden.

Methodik

Die Untersuchung umfaßte 21 Individuen von *M. vancouverensis*, dies entspricht etwa einem Viertel der noch verbliebenen Popula-

tion. Aufgrund der starken Bedrohung der Art und den daraus resultierenden strengen Schutzbestimmungen war es selbstverständlich nicht möglich, Blut- oder Organproben für die DNA-Gewinnung zu verwenden. Es wurde daher eine Form der Probenentnahme gewählt, die nur eine geringfügige Beeinträchtigung des betroffenen Individuums mit sich bringt. Jedem der zu untersuchenden Tiere wurde ein kleines Haarbüschel entfernt und die in den Zellen der Haarwurzeln vorhandene DNA als Ausgangsmaterial für die weiteren Analysen verwendet. Obwohl dabei nur geringe Mengen an DNA gewonnen werden können, reichen diese aus, um mit Hilfe der PCR-Methode einzelne Mikrosatellitenloci zu amplifizieren. Einzelheiten über die Single-Locus-Mikrosatellitenanalyse sind dem Beitrag „Genetische Differenzierung der Populationen des Alpenmurmeltieres" zu entnehmen. Fünf der als Marker verwendeten Loci (MS06, MS41, MS45, MS53 und MS56) wurden im Laufe dieser Untersuchungen aus dem Genom von M. *marmota* isoliert, zwei weitere Loci (Bibl-4 und Bibl-18) wurden von KLINKICHT (1993) beschrieben. Die drei Loci GS12, GS14 und GS25 schließlich wurden ursprünglich im Genom der Erdhörnchenart *Spermophilus columbianus* (STEVENS et al. 1997) gefunden und für diese Arbeit in M. *marmota* getestet. Somit standen insgesamt zehn Mikrosatellitenloci für den Vergleich der Variation zwischen M. *marmota* und M. *vancouverensis* zur Verfügung. Voraussetzung für die Auswahl dieser 10 Loci war Polymorphismus in zumindest einer Population von M. *marmota*.

Ergebnisse und Diskussion

Genetische Variation

Insgesamt wurden 10 der in M. *marmota* polymorphen Single-Locus-Mikrosatelliten auf ihre Verwendbarkeit für Untersuchungen des Vancouver Murmeltieres überprüft. Infolge der hohen Mutationsrate der Kopienzahl kann es vorkommen, daß Mikrosatelliten auch komplett verloren gehen. Oft sind daher die aus einer bestimmten Art isolierten Mikrosatellitenloci im Genom einer verwandten Art nicht mehr vorhanden. Es kann auch passieren, daß die außerhalb der Satellitensequenz liegenden Bindungsstellen für die PCR-Primer durch Mutationen so verändert sind, daß keine Primer-Bindung und somit keine PCR-Amplifikation mehr möglich ist. Dies kann übrigens auch innerhalb einer Art passieren. Bei Polymorphismus für eine solche Variante bezeichnet man diese Verlustmutanten eines Mikrosatellitenlocus als „Nullallele". Grundsätzlich kann man davon ausgehen, daß mit abnehmendem Verwandtschaftsgrad zwischen zwei Arten auch die Zahl der gemeinsam vorhandenen Mikrosatelliten immer geringer wird. Im Fall der 10 aus M. *marmota* gewonnenen Mikrosatellitenloci waren jedoch die Satellitensequenzen in M. *vancouverensis* vorhanden und ließen sich mit den gleichen PCR-Primern amplifizieren.

Für den zwischenartlichen Vergleich der Variation wurden diese 10 Loci auch an 22 Individuen aus einer österreichischen Population des Alpenmurmeltieres untersucht. Bei dieser Vergleichspopulation aus dem Lechquellengebirge (Westösterreich) handelt es sich um ein autochthones Vorkommen. Die Untersuchung der 3 Mikrosatellitenloci MS06, MS41 und MS45 ergab, daß die Variabilität dieser Population den Werten anderer autochthoner Populationen entspricht (siehe den Beitrag „Genetische Differenzierung der Populationen des Alpenmurmeltieres"). Die Analyse der 7 anderen Mikrosatellitenloci in weiteren Populationen von M. *marmota* ist derzeit in Arbeit.

Die Ergebnisse der Mikrosatellitenanalyse von M. *marmota* und M. *vancouverensis* sind in Tabelle 2 zusammengefaßt. Während sich 7 der 10 Loci in der Population Lechquellengebirge von M. *marmota* als polymorph erwiesen, war dies in M. *vancouverensis* nur bei 2 Loci (MS53 und MS56) der Fall. An einem Locus (MS53) sind beide Arten für die Allele 145 und 147 polymorph, an den anderen Loci haben die beiden Arten keine gemeinsamen Allele. Über alle Loci summiert wurden in M. *marmota* 20 und in M. *vancouverensis* 14 Allele gefunden. Die entsprechenden Werte für den durchschnittlichen Heterozygotiegrad (H_e) betrugen 31.5% in M. *marmota* gegenüber 10.3% in M. *vancouverensis*. Aus diesen Zahlen wird deutlich, daß die genetische

Variation von M. *vancouverensis* niedriger ist als in der Vergleichspopulation von M. *marmota*. Dabei muß man berücksichtigen, daß die Stichprobe von M. *vancouverensis* praktisch den Genpool der gesamten Art repräsentiert. Da 21 von maximal 100 überlebenden Individuen analysiert wurden, ist die Wahrscheinlichkeit gering, daß in den restlichen Vancouver Murmeltieren noch ein größerer Anteil in der Stichprobe nicht erfaßter Variation zu finden ist. Im Gegensatz dazu umfaßt die Vergleichspopulation Lechquellengebirge von M. *marmota* nur einen kleinen Teil der Individuenzahl dieser Art. Aufgrund geographischer Differenzierung der Populationen ist zu erwarten, daß die Variation auf das gesamte Verbreitungsgebiet bezogen wesentlich höher ist. Von drei Loci (MS06, MS41 und MS45) liegen bereits Daten aus acht zusätzlichen Populationen vor (siehe Beitrag „Genetische Differenzierung der Populationen des Alpenmurmeltieres"), wobei insgesamt 13 Allele entdeckt wurden. Diesen stehen in M. *vancouverensis* nur 3 Allele (alle drei Loci waren monomorph) gegenüber. In der noch laufenden Untersuchung aller 10 Loci in zusätzlichen Populationen von M. *marmota* konnten bis jetzt 35 verschiedene Allele unterschieden werden, wobei die Entdeckung weiterer Allele wahrscheinlich ist. Nimmt man dennoch die Zahl 35 als Minimalschätzung der Gesamtvariation, so ist die Anzahl verschiedener Allele mehr als doppelt so hoch wie in M. *vancouverensis* (14 Allele).

Als positives Ergebnis dieser Untersuchung ist die Entdeckung zweier polymorpher Loci zu werten, die als genetische Marker für Zuchtversuche und Populationsanalysen geeignet sind. Die Suche nach weiteren variablen Mikrosatelliten erscheint somit trotz der nachgewiesenen genetischen Verarmung nicht aussichtslos. Die hier angewandte Methode der DNA-Gewinnung aus Haaren ist für die Tiere wesentlich schonender als die Blutabnahme, wie sie für Enzymanalysen notwendig wäre. Die technischen Voraussetzungen für den Aufbau eines genetischen Monitoring-Systems für die Population wären also gegeben.

Negativ zu sehen ist sicher die reduzierte Variabilität, welche im Falle von M. *vancouverensis* den gesamten Genpool der Art betrifft. Aus den Ergebnissen unserer Untersuchungen ist nicht abzuleiten, wann dieser Verlust der Variation eingetreten ist. Da es sich beim Vancouver Murmeltier um eine relativ junge Art handelt, ist es durchaus denkbar, daß es im Zuge der Artentstehung zu einem genetischen Flaschenhals oder zu Driftphänomenen (siehe auch den Beitrag „Genetische Verarmung des Alpenmurmeltieres in Österreich") gekommen sein könnte. Tatsache ist, daß bei dieser Inselart Verbreitung und Individuenzahl von Anfang an eingeschränkt waren, was Drifteffekte begünstigen könnte. Da die Ende der 80er Jahre durchgeführten Allozymuntersuchungen keinen eindeutigen Hinweis auf reduzierte Variabilität ergaben, könnte man eventuell einen Zusammenhang mit dem Zusammenbruch der Population in den vergangenen zehn Jahren vermuten. Bei genauerer Betrachtung ist diese Erklärung allerdings höchst unwahrscheinlich. Verlust von Variation tritt dann ein, wenn entweder eine drastische Reduktion der Population auf wenige Individuen zu einem Flaschenhalseffekt führt, oder eine kleine Population über einen längeren Zeitraum starker genetischer Drift ausgesetzt ist. Die Individuenzahl von M. *vancouverensis* jedoch verringerte sich im Beobachtungszeitraum seit 1984 kontinuierlich von 350 auf 100 Individuen, sodaß ein plötzlicher Variationsverlust durch Flaschenhalseffekt auszuschließen ist. Für langfristigen Variationsverlust durch Drifteffekte wiederum war der Zeitraum zu kurz. Daher ergibt sich die Diskrepanz zu den Enzymdaten möglicherweise daraus, daß es sich bei den 4 variablen Enzymgenen um balancierte Polymorphismen handelt, die durch Selektionsdruck erhalten bleiben (z. B. durch Heterozygotenvorteil). Die Mikrosatelliten hingegen repräsentieren neutrale (nicht durch selektive Kräfte gesteuerte) Variation, geben aber damit eher die durchschnittliche Situation des Genpools der Art wieder.

Überlebenschancen

Wie steht es nun mit den Überlebenschancen des Vancouver Murmeltieres? Die genetische Verarmung kann kurzfristig zu

einer zusätzlichen Bedrohung werden, wenn es durch Fixierung nachteiliger Allele zu Inzuchtdepression kommt. Ein langfristiger Effekt wäre die Verringerung des genetischen Potentials und damit der evolutionären Flexibilität, der Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Bedingungen (PRIMACK 1993). Dies ist besonders zu beachten, falls sich bei weiterem Absinken der Individuenzahlen der Trend zur Verminderung der Variabilität fortsetzen sollte. Daß Arten bzw. Populationen sich auch nach einem drastischen Flaschenhals trotz Variabilitätsverlust erholen und wieder ausbreiten können, ist durch zahlreiche Beispiele von verschiedenen Säugetierarten belegt (z. B. Nördlicher See-Elefant, Löwe, Gepard). Auch beim Alpenmurmeltier waren Wiederansiedelungen, trotz Foundereffekten bei den Aussetzungen und damit verbundener Reduktion der Variabilität, erfolgreich und haben zum Aufbau stabiler Populationen geführt. Wenn es daher auch angebracht erscheint, bei den Zucht- und Wiederansiedelungsbemühungen genetische Aspekte mit zu berücksichtigen, um die fortschreitende Verringerung der Variabilität zu stoppen, ist das vordringliche Hauptziel die Erhaltung der verbliebenen Population.

Das Konzept der „minimal viable population" (MVP = kleinste lebensfähige Population) besagt, daß eine bestimmte Mindestindividuenzahl vorhanden sein muß, um das Überleben der Population über einen längeren Zeitraum trotz zufälliger oder umweltbedingter Schwankungen zu garantieren. Definiert ist die MVP als jene Populationsgröße, bei der die Überlebenswahrscheinlichkeit über eine Periode von 1000 Jahren 99% beträgt. Die MVP ist artspezifisch und hängt von vielen Faktoren (z. B. Fortpflanzungsrate, Generationsdauer, Schwankungsbreite der Populationsgröße) ab. Für Säuger wird hierbei eine Individuenzahl von 500 als Richtwert angegeben, eine Zahl die beim Vancouver Murmeltier bereits deutlich unterschritten ist. Im Vordergrund aller Bemühungen muß daher zunächst auf jeden Fall die Erhaltung der in höchstem Maße gefährdeten Restpopulation stehen. Das größte Problem für die in weiterer Folge angestrebte Aufstockung der Population auf 400 bis 600 Individuen stellt jedoch das Fehlen geeigneter Habitate dar. Solange nicht eine genügend große Fläche von geschützten Arealen für die Wiederansiedelung bereitgestellt wird, sind alle Rettungsmaßnahmen langfristig zum Scheitern verurteilt. Die Sicherung des Lebensraumes wäre demnach die vordringliche Aufgabe, gegenüber der die Erhaltung der genetischen Variabilität in der akuten Situation eher als Nebenaspekt zu bewerten ist.

Danksagung

Die vorliegende Arbeit wurde vom FWF im Rahmen des Projektes P11840-GEN gefördert. Unser besonderer Dank gilt I. GERSTL und E. KEHRER für ausgezeichnete technische Unterstützung.

Zusammenfassung

M. *vancouverensis* hat während der vergangenen 10 Jahre einen dramatischen Einbruch der Populationsgröße erfahren. Um diese Art vor dem Aussterben zu bewahren, wurde ein Rettungsprogramm gestartet, welches die Nachzucht in Gefangenschaft, Wiederansiedelungen und die Wiederherstellung stabiler Populationen in geeigneten Habitaten beinhaltet. Zu diesem Zweck wäre es hilfreich, genetische Marker für die Überprüfung der Populationsentwicklung zu haben, speziell in Hinblick auf die Vermeidung von Inzucht und den Verlust von Variabilität. Zusätzlich ist es wichtig, grundlegende Informationen über den gegenwärtigen genetischen Status der verbliebenen Population zu erhalten.

In den letzten Jahren hat unsere Arbeitsgruppe Populationsanalysen am Alpenmurmeltier (M. *marmota*) im gesamten ostalpinen Verbreitungsgebiet dieser Art durchgeführt. Zehn in M. *marmota* polymorphe Mikrosatellitenloci wurden auch in 21 Individuen von M. *vancouverensis* getestet. Wegen der strengen Schutzbestimmungen für diese Art wurden Haarwurzelproben als Ausgangsmaterial für die DNA-Extraktion verwendet. Die Mikrosatelliten wurden mittels PCR amplifiziert. Die Zahl der Allele wie auch der Heterozygotiegrad waren in M. *vancouverensis* deutlich niedriger. Eine Verarmung des Genpools stellt somit neben der abnehmenden Populationsgröße eine zusätzliche Bedrohung dar. Als

Hauptproblem für die Erhaltung der Art ist jedoch der Mangel an geeigneten Habitaten anzusehen.

Patenschaft für ein Vancouver Murmeltier

Das „Vancouver Island Marmot Recovery Project" organisiert Erhaltungsmaßnahmen für diese vom Aussterben bedrohte Art. Mit einer Spende von $ 100.- ist es möglich, die Patenschaft für eines der noch existierenden Tiere für ein Jahr zu übernehmen.

Nähere Auskünfte sind über das Internet (www.islandnet.com/~marmot) oder über Dr. A.A. BRYANT (Nanaimo, Kanada; genaue Adresse siehe Anschrift der Verfasser) zu erhalten.

Literatur

BRYANT A.A. (1990): Genetic variability and minimum viable populations in the Vancouver Island marmot (*Marmota vancouverensis*). — M.E.Des. Thesis, University of Calgary, Calgary, Kanada.

BRYANT A.A. (1997): Status report on species at risk in Canada: Vancouver Island marmot (*Marmota vancouverensis*). — Cosewic, Ottawa, Kanada.

BRYANT A.A. & D.W. JANZ (1996): Distribution and abundance of Vancouver Island marmots (*Marmota vancouverensis*). — Can. J. Zool. **74**: 667-677.

KLINKICHT M. (1993): Untersuchungen zum Paarungssystem des Alpenmurmeltieres, *Marmota m. marmota* (LINNÉ, 1758), mittels DNA-Fingerprinting. — Dissertation, Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland.

KRUCKENHAUSER L., PINSKER W., HARING E. & W. ARNOLD (1999): Marmot phylogeny revisited: molecular evidence for a diphyletic origin of sociality. — J. Zool. Syst. Evol. Research **37**: 49-56.

NAGORSEN D.W. (1987): *Marmota vancouverensis*. — Mammalian Species **270**: 1-5.

PRELEUTHNER M. & W. PINSKER (1993): Depauperated gene pools in *Marmota m. marmota* are caused by an ancient bottle neck: electrophoretic analysis of 15 wild populations from Austria and Switzerland. — In: HARTL G.B. & J. MARKOWSKI (Eds.), Ecological genetics in mammals I, Acta theriol. **38**, Suppl. 2: 121–139.

PRIMACK R.B. (1993): Essentials of conservation biology. — Sinauer, Sunderland, USA.

SCHWARTZ O.A. & K.B. ARMITAGE (1980): Genetic variation in social mammals: The marmot model. — Science **207**: 665-667.

STEVENS S., COFFIN J. & C. STROBECK (1997): Microsatellite loci in Columbian ground squirrels *Spermophilus columbianus*. — Mol. Ecol. **6**: 493-495.

WRIGHT J., TENNANT B.C. & B. MAY (1987): Genetic variation between woodchuck populations with high and low prevalence rates of woodchuck hepatitis virus. — J. Wildl. Dis. **23**: 186-191.

Anschriften der Verfasser:

Mag. Luise KRUCKENHAUSER
Ao.Univ-Prof. Dr. Wilhelm PINSKER
Institut für Medizinische Biologie,
AG Allg. Genetik
Medizinische Fakultät der Universität
Wien
Währingerstr.10
A-1090 Wien
Austria
e-mail:
Luise.Kruckenhauser@univie.ac.at,
Wilhelm.Pinsker@univie.ac.at

Dr. Andrew A. BRYANT
Vancouver Island Marmot Recovery
Project
108 Fifth Street
Nanaimo, B.C., V9R 1N2
Canada
e-mail: abryant@island.net